

In the name of Allah, the Most Gracious, the Most Merciful



Copyright disclaimer

"La faculté" is a website that collects medical documents written by Algerian assistant professors, professors or any other health practicals and teachers from the same field.

Some articles are subject to the author's copyrights.

Our team does not own copyrights for some content we publish.

"La faculté" team tries to get a permission to publish any content; however , we are not able to contact all authors.

If you are the author or copyrights owner of any kind of content on our website, please contact us on: facadm16@gmail.com to settle the situation.

All users must know that "La faculté" team cannot be responsible anyway of any violation of the authors' copyrights.

Any lucrative use without permission of the copyrights' owner may expose the user to legal follow-up.



Professeur Mohamed ABDELALI
Cours de génétique – 1^{ère} année

CHAPITRE IV

DIHYBRIDISME I

TRANSMISSION DE DEUX COUPLES D'ALLELES INDEPENDANTS

Le dihybridisme est l'étude de la transmission de deux caractères déterminés par deux couples d'allèles portés par deux paires différentes de chromosomes homologues. La ségrégation de chaque couple d'allèles se fait indépendamment de celle du second couple d'allèle.

On considère deux caractères déterminés par deux couples d'allèles indépendants. Le premier couple de gènes allèles alternatifs est représenté par le gène (A), dominant porté par un chromosome, et le gène récessif (a) correspondant, porté par le chromosome homologue. Le second couple de gènes allèles alternatifs comporte le gène (B) dominant porté par un chromosome, et son gène récessif (b) porté par le chromosome homologue (Figure VI.1).

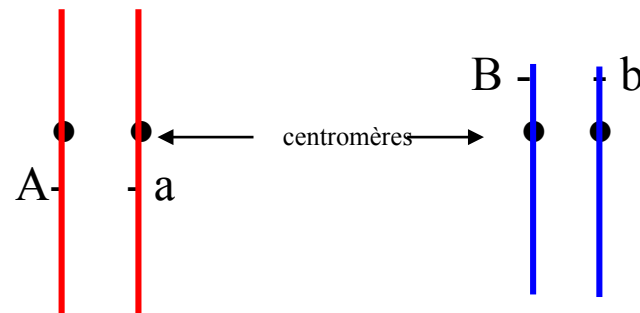


Figure IV.1. Ce schéma représente deux caractères déterminés par deux couples d'allèles indépendants, A et B étant dominants, a et b, récessifs.

Dans un couple parental, le père est double homozygote dominant AA, BB, ses gamètes (gamètes paternels), sont tous du type AB ; la mère est double homozygote récessive aa, bb, ses gamètes (gamètes maternels) sont tous ab, (figure IV.2).

Analyse de la génération F1

En F1, les individus doubles hétérozygotes issus de cette union ont un génotype Aa, Bb. Lors de la méiose des individus doubles hétérozygotes de la génération F1, la répartition des 2 couples d'allèles se fait au hasard, et on aboutit à un nombre égal de gamètes portant l'une des quatre combinaisons:

AB ($\frac{1}{4}$) ; Ab ($\frac{1}{4}$) ; aB ($\frac{1}{4}$) ; ab ($\frac{1}{4}$)

On obtient des associations recombinées : Ab et aB (50%)

Et les associations parentales de départ : AB et ab (50%)

Il y a égalité des associations parentales (AB et ab) et des associations recombinées (Ab et aB). Dans de telles conditions on dit que les deux gènes sont génétiquement indépendants.

Analyse de la génération F2

Le croisement de deux individus doubles hétérozygotes F1 entre eux donne des proportions phénotypiques caractéristiques en F2 : 9 : 3 : 3 : 1

Soit :

- Le phénotype double dominant AB $9/16$;
- Le phénotype A dominant, b récessif $3/16$;
- Le phénotype a récessif, B dominant $3/16$; et,
- Le phénotype ab double récessif $1/16$.

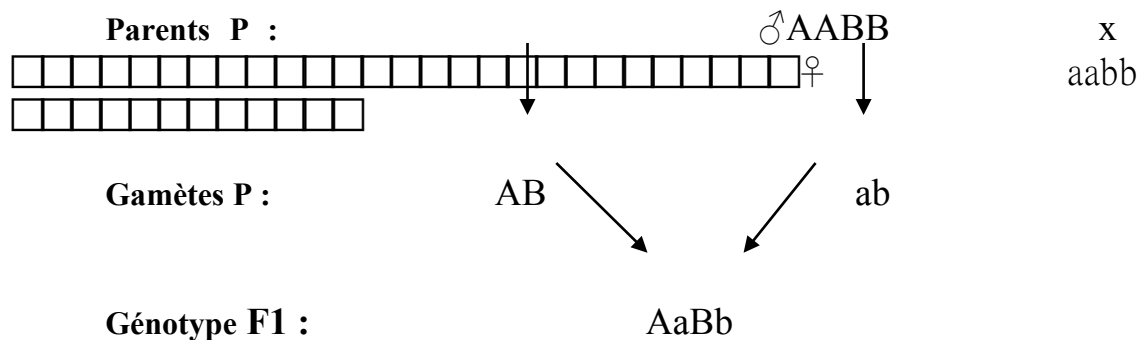


Figure IV.2. Union d'un homme double homozygote dominant AA, BB, et d'une femme double homozygote récessive aa, bb.

Après croisement de deux individus F1 entre eux les génotypes obtenus en F2 sont donnés par l'échiquier du tableau IV.1.

Parents : F1	F1 ♂	X	F1 ♀
Génotypes :	Aa Bb		Aa Bb
Gamètes :	$\frac{1}{4}$ AB		$\frac{1}{4}$ AB
	$\frac{1}{4}$ Ab		$\frac{1}{4}$ Ab
	$\frac{1}{4}$ aB		$\frac{1}{4}$ aB
	$\frac{1}{4}$ ab		$\frac{1}{4}$ ab

Tableau IV.1. Echiquier représentant les génotypes obtenus après l'union de deux hybrides F1 entre eux.

Gamètes paternels	Gamètes maternels F1				
	$\frac{1}{4}$ AB	$\frac{1}{4}$ Ab	$\frac{1}{4}$ aB	$\frac{1}{4}$ ab	
$\frac{1}{4}$ AB	$\frac{1}{4} \times \frac{1}{4} = 1/16$ AABB	$\frac{1}{4} \times \frac{1}{4} = 1/16$ AABb	$1/16$ AaBB	$1/16$ AaBb	

F1	$\frac{1}{4}$ Ab	$\frac{1}{16}$ AABb	$\frac{1}{16}$ AAbb	$\frac{1}{16}$ AaBb	$\frac{1}{16}$ Aabb
	$\frac{1}{4}$ aB	$\frac{1}{16}$ AaBB	$\frac{1}{16}$ AaBb	$\frac{1}{16}$ aaBB	$\frac{1}{16}$ aaBb
	$\frac{1}{4}$ ab	$\frac{1}{16}$ AaBb	$\frac{1}{16}$ Aabb	$\frac{1}{16}$ aaBb	$\frac{1}{16}$ aabb

Soit pour le phénotype double dominant : $= 9/16 = 1/16$ AABB + $2/16$ AABb + $2/16$ Aa BB + $4/16$ Aa Bb. Pour le phénotype double récessif : ab = aabb $1/16$. Pour le phénotype A dominant, b récessif : Ab = $3/16 = 1/16$ AA bb ; $2/16$ Aa bb. Enfin pour le phénotype a récessif B dominant : aB = $3/16 = 2/16$ aaBb ; $1/16$ aaBB.

Si on effectue un test back-cross ou croisement en retour impliquant un individu double hétérozygote F1 de génotype Aa Bb, et un individu double récessif aabb, ce test permet de connaître le génotype de l'hétérozygote et de ses gamètes, (figure I.V.3).

Génotype des

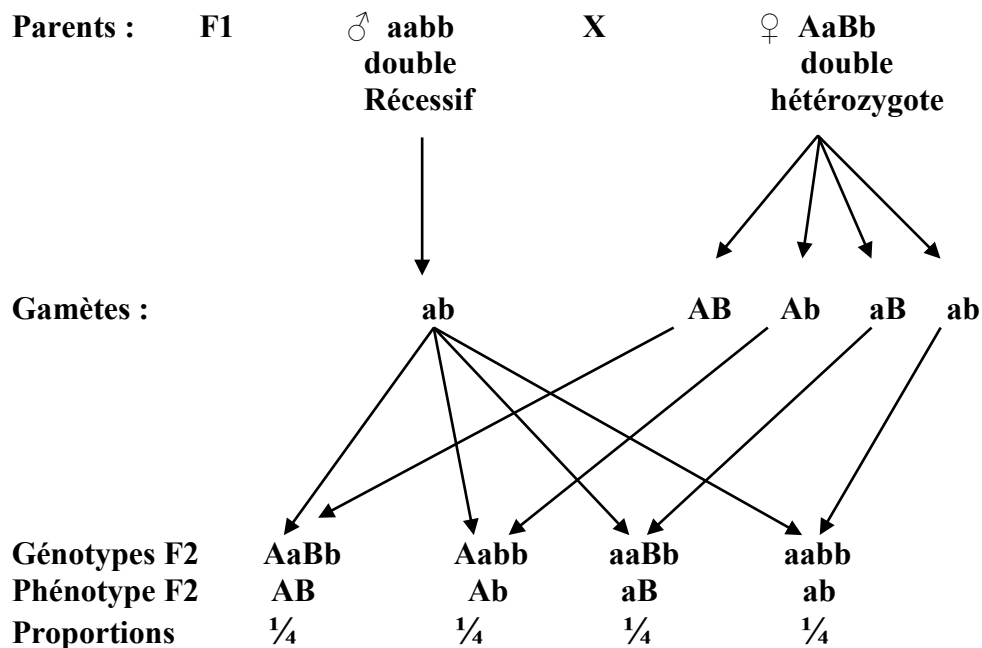


Figure IV.3. Diagramme représentant les résultats que l'on peut attendre d'un test back-cross impliquant un double hétérozygote F1 de génotype Aa Bb, et un double récessif aabb.

Conclusion :

Lorsque la ségrégation de deux couples de gènes est indépendante, la répartition des génotypes des gamètes est du type $\frac{1}{4}$; $\frac{1}{4}$; $\frac{1}{4}$ et $\frac{1}{4}$ soit 4 x 25%.

CHAPITRE V

DIHYBRIDISME II

TRANSMISSION DE DEUX COUPLES D'ALLELES LIES

LINKAGE

V.1. Gènes liés ou linkage.

Si on considère deux couples indépendants de gènes Aa et Bb portés par deux paires différentes de chromosomes homologues ; le croisement entre eux de deux individus F1, doubles hétérozygotes, donne les phénotypes : AB ; Ab ; aB ; ab, dans les proportions respectives : 9 : 3 : 3 : 1. Dans ce cas la ségrégation de chaque couple d'allèles s'est faite indépendamment du second couple d'allèles.

Considérons maintenant que les deux couples de gènes Aa et Bb sont physiquement liés, situés dans des loci appartenant au même chromosome. Chaque chromosome de la paire d'homologues porte dans le premier locus soit l'allèle A dominant, soit son allèle alternatif récessif a ; et dans le second locus soit l'allèle dominant B, soit son allèle alternatif récessif b, (fig.V.1).

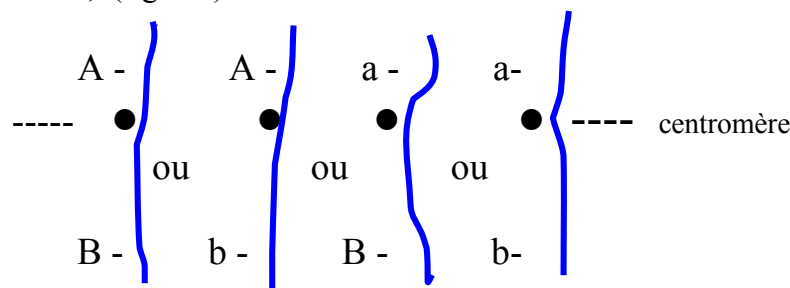
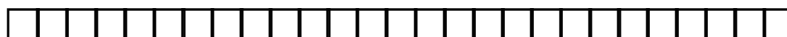


Figure V.1. Représentation schématique de deux gènes liés, ayant tous deux leur loci sur le même chromosome. Les deux formes alléliques, dominante (A et B) et récessive (a et b), de chaque gène sont représentées.

Quel sera le produit du croisement de deux individus de souche pure, l'un homozygote dominant AB et l'autre homozygote récessif ab (figure.V.2) ; les individus F1 seront doubles hétérozygotes Aa Bb.



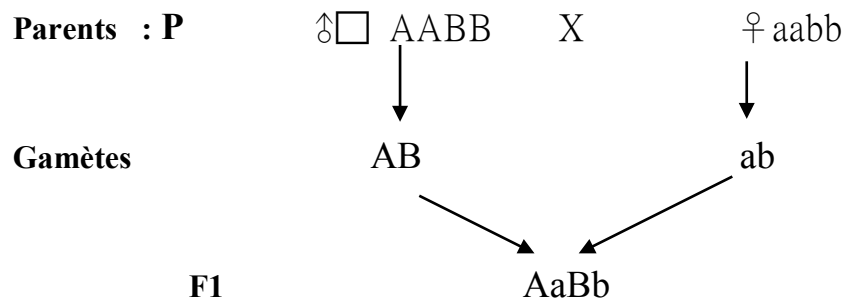


Figure V.2. Diagramme représentant le croisement de deux individus de souche pure, l'un homozygote de génotype dominant AB et l'autre homozygote de génotype récessif ab.

Quels types de gamètes produira un individu F1? Puisque les gènes sont situés sur le même chromosome, les gamètes produits par F1 seront du type parental, c'est à dire 50% AB et 50% ab. Il est cependant possible que l'individu F1 produise une grande proportion de gamètes ayant une combinaison parentale AB et ab ainsi qu'une faible proportion de gamètes recombinés Ab et aB. Ceci n'est possible que lorsque se produisent des crossing-over lors de la méiose (figure. V.3).

V.2. Conséquences génétiques de la méiose, les crossing-over.

Au cours de la gamétogenèse, survient la méiose, division cellulaire particulière qui permet de réduire le nombre de chromosomes de l'état diploïde à l'état haploïde. Les organismes diploïdes résultent de la formation d'un zygote, suite à la fusion des gamètes parentaux, tous deux haploïdes.

Durant la méiose, se produit un appariement des chromosomes paternels avec leurs homologues d'origine maternelle. Ce processus d'appariement, précis, permet l'échange de segments chromosomiques homologues entre chromatides non sœurs. Ce phénomène de crossing-over correspond à une recombinaison du matériel génétique, appelé **brassage intrachromosomique**. La redistribution des chromosomes entre les cellules filles se fait au hasard, indépendamment de l'origine paternelle ou maternelle du chromosome. Dans ce **brassage interchromosomique**, 2^{23} combinaisons chromosomiques, d'égale probabilité, peuvent se produire.

Cette double recombinaison explique les différences phénotypiques dans la fratrie, malgré le même « air de famille », il y a des différences entre frères et sœurs ; sauf pour les jumeaux homozygotes qui possèdent une constitution génétique identique.

V.3. Fréquence de recombinaison et distance génétique.

Les échanges entre chromatides pendant la méiose sont strictement réciproques, c'est à dire que les associations recombinées complémentaires sont en nombre égal, il en est de même pour les associations parentales.

Associations parentales AB = ab

Associations recombinées Ab = aB

Si on admet que pendant la méiose il n'y a qu'un seul crossing-over sur le segment de chromatide séparant les deux loci; le nombre d'associations recombinées correspond alors au nombre de chromatides remaniées. Plus l'intervalle séparant les deux gènes est grand, plus grande sera la probabilité de crossing-over dans cet intervalle. Ainsi la fréquence de recombinaison permet de mesurer la distance génétique

entre deux gènes. L'unité de distance génétique est le centimorgan (cM) qui correspond à un intervalle où la probabilité de crossing-over est de 1 pour cent. En réalité la relation entre la distance génétique exprimée en cM et la distance physique n'est pas vraiment linéaire puisque la probabilité de recombinaison peut varier d'un chromosome à un autre. Le cM représente environ 1 million de paires de bases (1000 Kb).

L'étude des crossing-over contribue à l'établissement de la carte génétique puisqu'elle permet de localiser les gènes sur le chromosome.

V.4. Exemple de localisation des gènes sur la carte chromosomique:

Chez un animal de laboratoire deux gènes localisés sur le même chromosome déterminent la couleur du pelage :

- L'allèle S dominant détermine une couleur noire uniforme
- L'allèle s récessif détermine un pelage noir tacheté de blanc
- L'allèle H dominant détermine des poils longs
- L'allèle h récessif détermine des poils courts.

Le croisement d'un animal de souche pure, double homozygote dominant SSHH, avec un animal de souche pure double homozygote récessif sshh, donne des doubles hétérozygotes SsHh. Le test back-cross SsHh avec un animal double récessif sshh donne la descendance :

- 90 individus SsHh de phénotype dominant SH ;
- 73 individus sshh de phénotype récessif sh ;
- 12 individus Sshh hétérozygotes de phénotype Sh et,
- 09 individus ssHh hétérozygotes de phénotype sH.

La répartition des phénotypes de back-cross qui reflète le génotype des gamètes est donc la suivante : 90 : 73 : 12 : 09 ; elle est différente de la répartition qu'on devrait obtenir lorsque les deux gènes sont indépendants, c'est à dire $\frac{1}{4}$, $\frac{1}{4}$; $\frac{1}{4}$; $\frac{1}{4}$ ou 4 X 25%.

On conclut donc que les gènes sont liés. La distance entre les deux gènes est estimée de :

$$\frac{(12 + 9) \times 100}{90 + 73 + 12 + 9} = \frac{(12 + 9) \times 100}{184} = 11,4 \% \text{ ou } 11,4 \text{ cM}$$

L'étude de la liaison entre les loci permet de dresser les cartes chromosomiques.

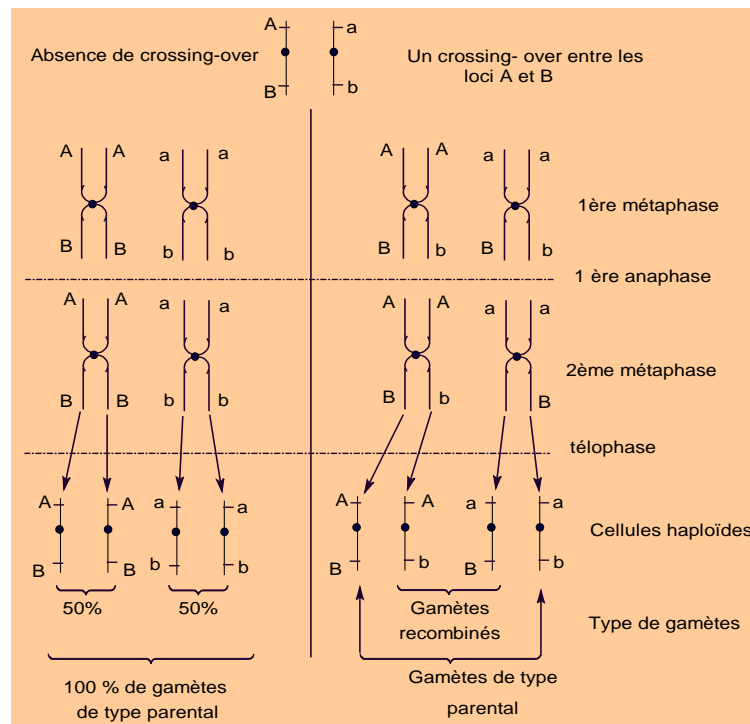


Figure. V.3. Ségrégation de deux couples d'allèles (Aa et Bb) lors de la méiose, les locus A et B, étant situés sur le même chromosome.

V.5. Notion de phase :

La phase est la façon selon laquelle se dispose un couple de gènes liés sur une paire de chromosomes homologues. Quand les deux gènes dominants ou récessifs A et B ou a et b sont sur un même chromosome chez le parent, on dit que les deux gènes sont en **phase de couplage**, lorsque au contraire le chromosome comporte un gène dominant de l'un des couples de gènes et un gène récessif de l'autre couple de gènes, on dit que les deux gènes sont en **phase de répulsion** (figure. V. 5)

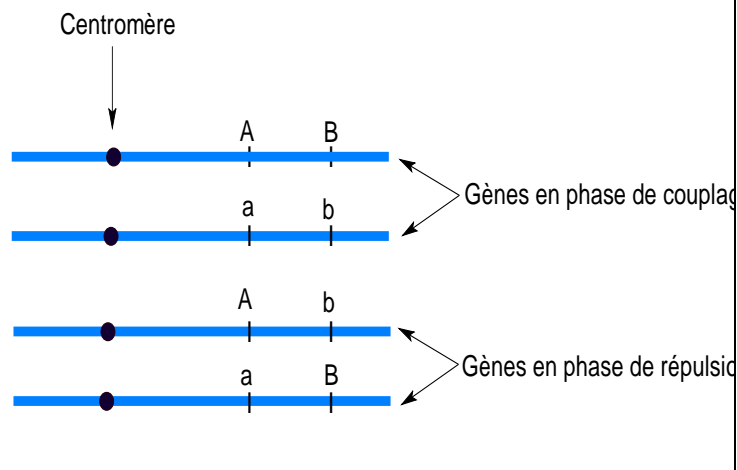


Figure V.5.

Représentation schématique d'un couple de gènes en phase de couplage, et d'un de couple de gènes en phase de répulsion.

V.6. Synténie.

On parle de synténie, lorsque deux loci sont portés par le même chromosome, mais restent suffisamment éloignés. La distance génétique dans ces cas est supérieure à 50 unités de crossing-over (50 cM). En cas de synténie la ségrégation devient de type

indépendant. Pour le conseil génétique, on doit tenir compte de la phase en répulsion ou en couplage, du phénomène de synténie ainsi que de l'arbre généalogique.

V.7. Exemple de crossing-over dans l'espèce humaine.

Les gènes responsables de l'hémophilie et du daltonisme sont tous deux récessifs liés au chromosome X. Une famille peut être atteinte par les deux caractères à la fois. Voici un exemple d'observation rapporté dans la littérature démontrant l'existence du phénomène de crossing-over dans l'espèce humaine (figure V.6.)

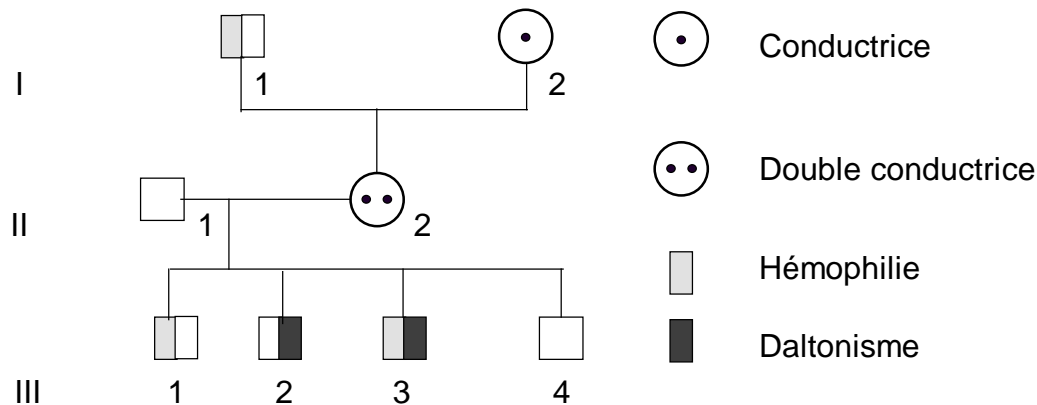


Figure .V.6. Arbre généalogique d'une famille ayant présenté un crossing-over des chromosomes X entre les loci de l'hémophilie et du daltonisme.

- III.1- hémophile non daltonien
- III.2- daltonien non hémophile
- III.3- daltonien et hémophile
- III.4- phénotype normal : ni daltonien ni hémophile.

L'analyse de l'arbre généalogique de la famille représenté en figure V.6, montre que la mère (II. 2) des quatre garçons, de phénotype normal, mais double conductrice pour les deux tares, daltonisme et hémophilie, a épousé un homme normal. Les parents de la mère : le grand-père (I.1) est hémophile non daltonien, et la grand-mère (I.2), de phénotype normal mais conductrice pour le daltonisme. Il a été déduit par conséquent que la mère des quatre garçons (II.2) a hérité d'un chromosome X porteur du gène de l'hémophile et d'un second chromosome X porteur du gène du daltonisme. Les deux gènes anormaux étaient donc portés au départ par deux chromosomes X distincts [phase de répulsion]. L'apparition d'un fils à la fois daltonien et hémophile (III.3) et d'un autre fils indemne des deux tares (III.4) ne peut s'expliquer qu'en admettant la survenue d'un crossing-over entre les deux chromosomes X parentaux de la mère après le crossing-over, l'un des chromosomes X porte les deux gènes anormaux. L'autre chromosome X étant devenu normal.

